

004726585US

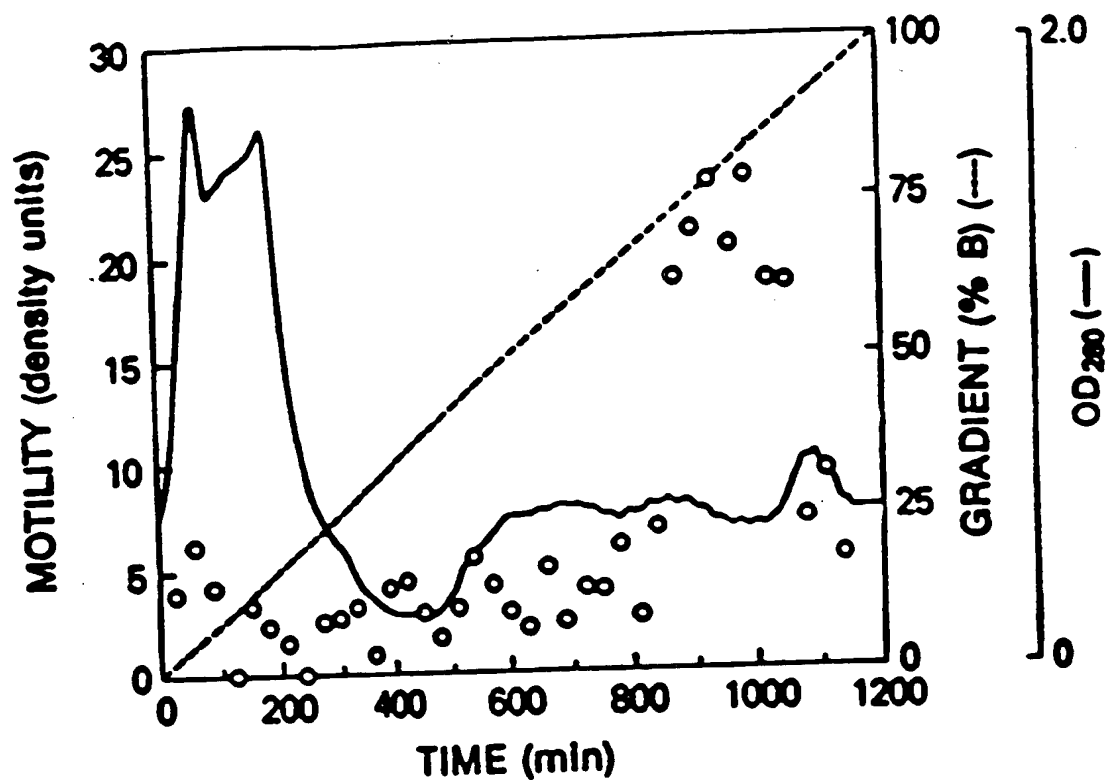


FIGURE 1

004770 FEB 84 50

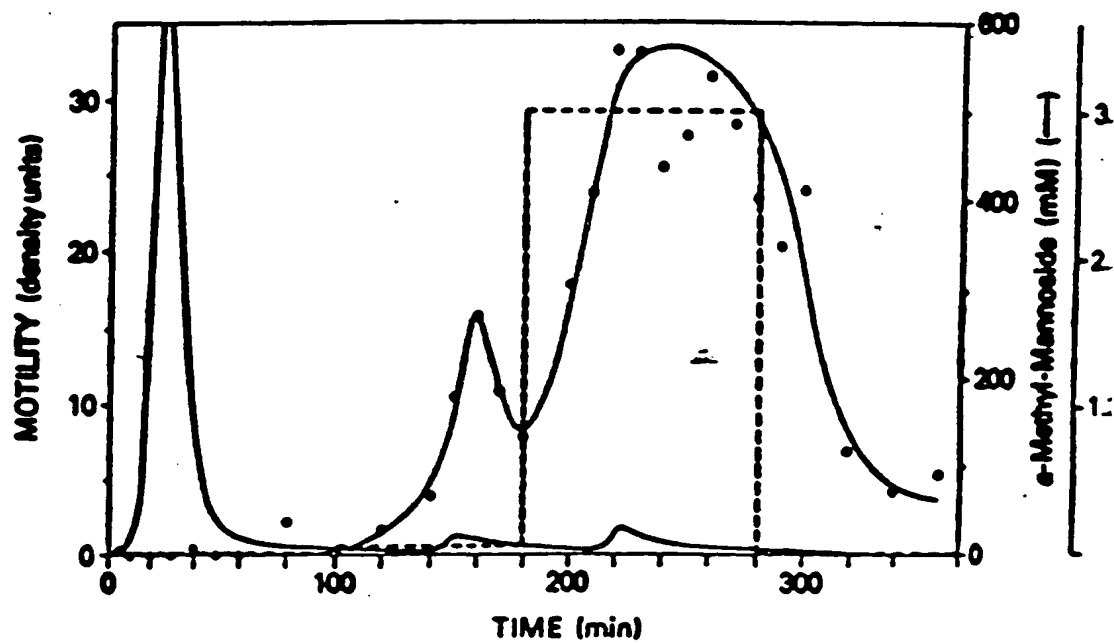


FIGURE 2

00443831.011700

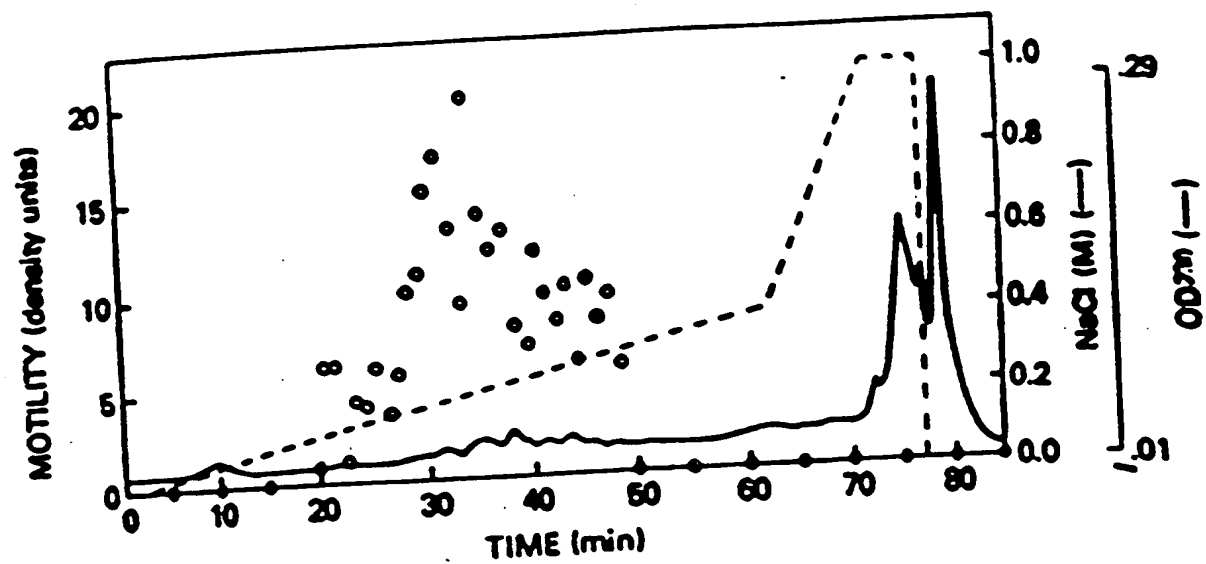


FIGURE 3

EJ604726585US

09483331 011700

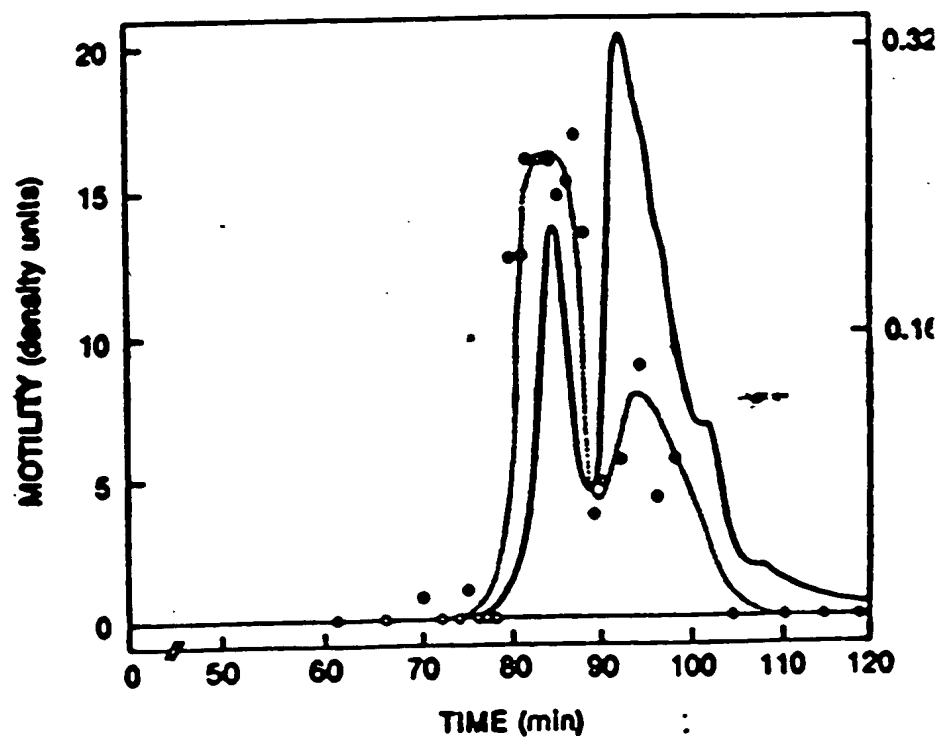


FIGURE 4

EJ604726585US

00483831-01700

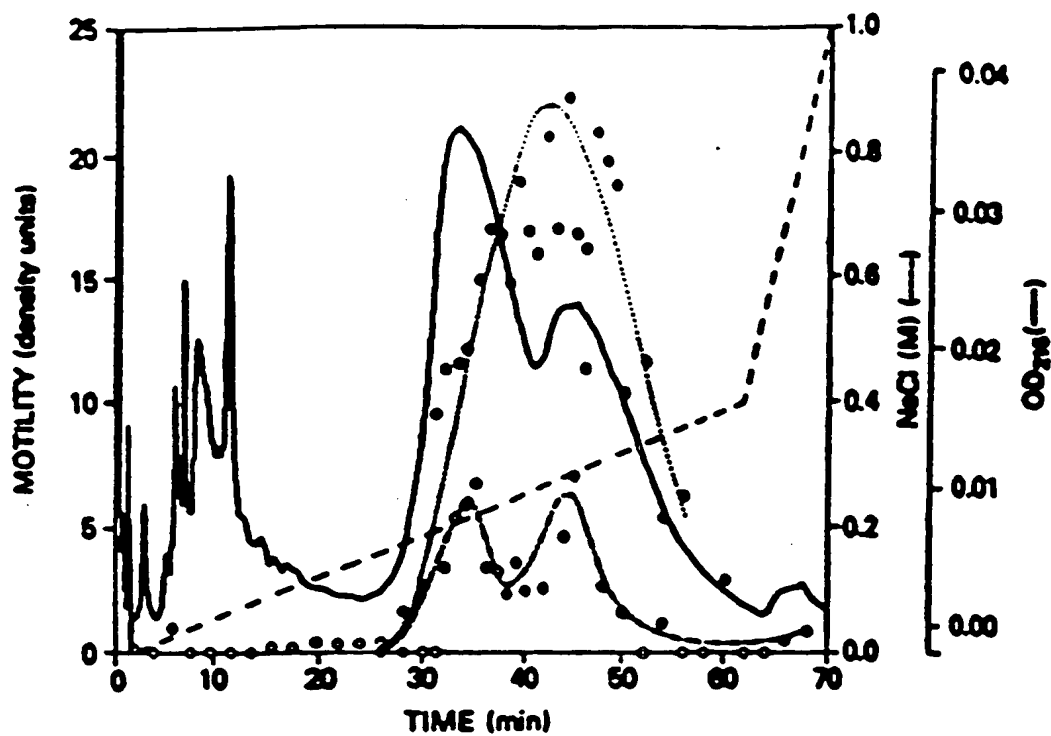


FIGURE 5

EJ604726585US

09483831.011700

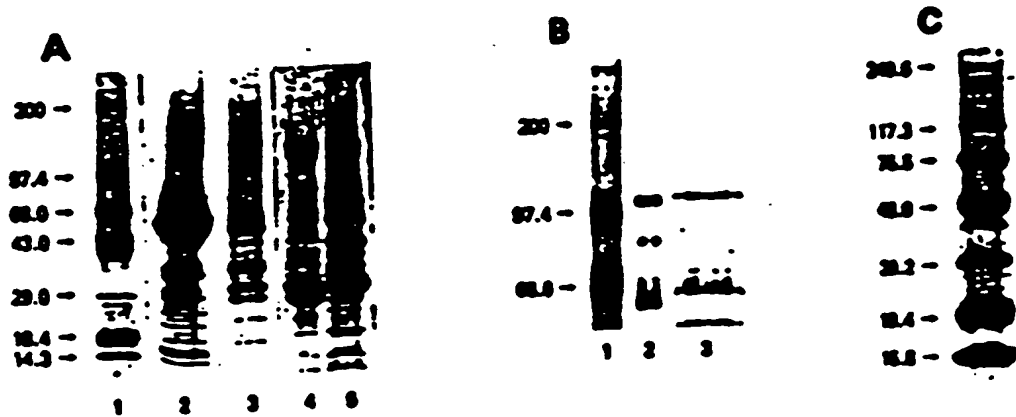


FIGURE 6

00270" FEB 84 60

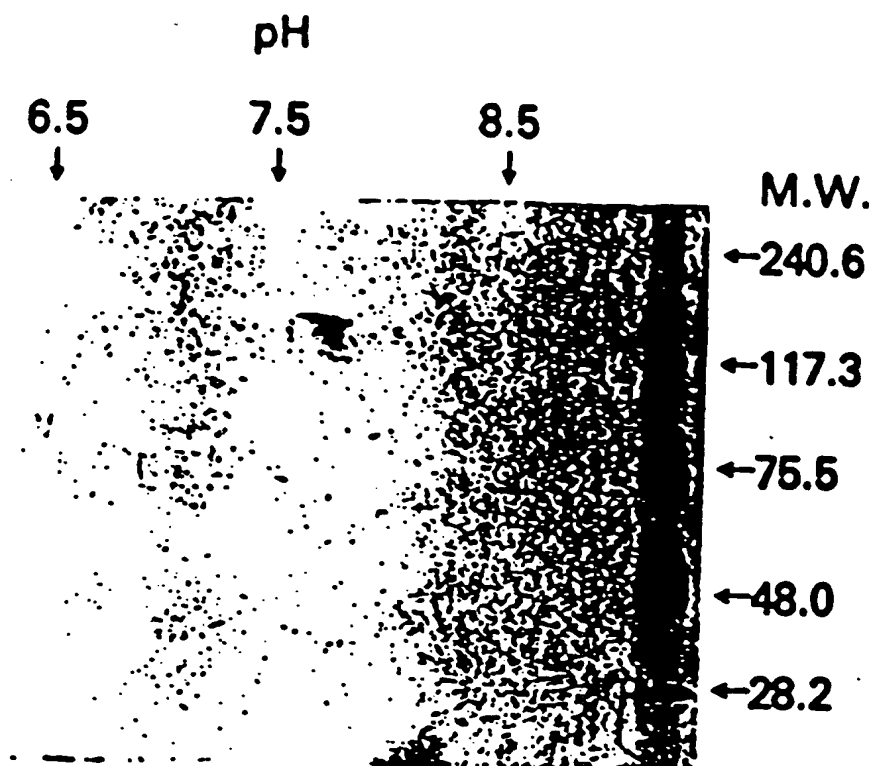


FIGURE 7

00463831.011700

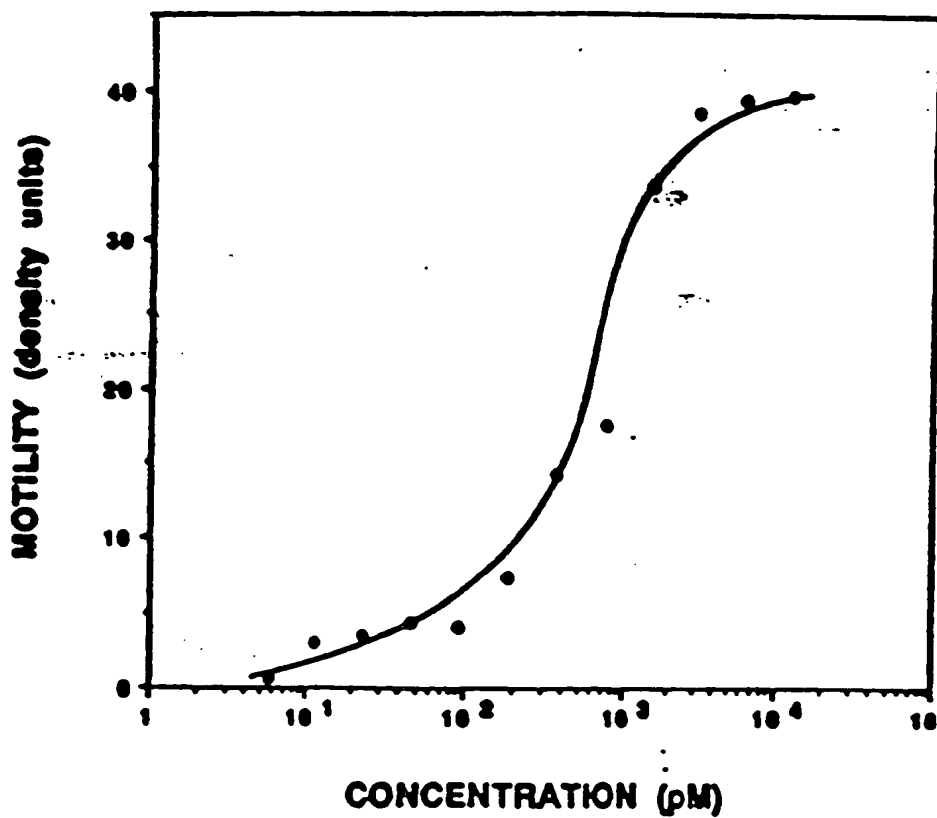


FIGURE 8

EJ604726585US



00483834.041700

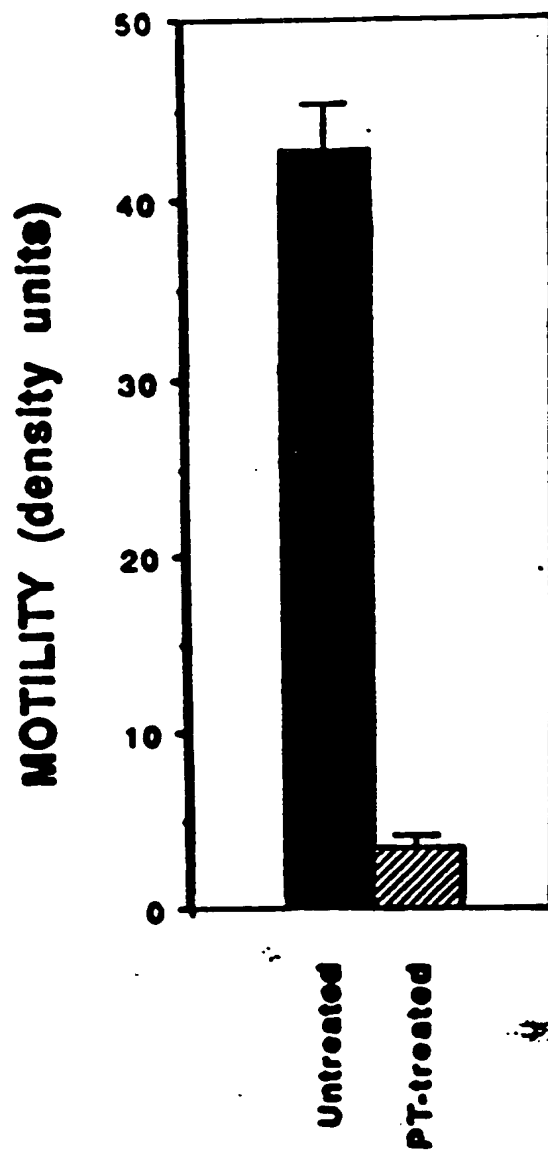


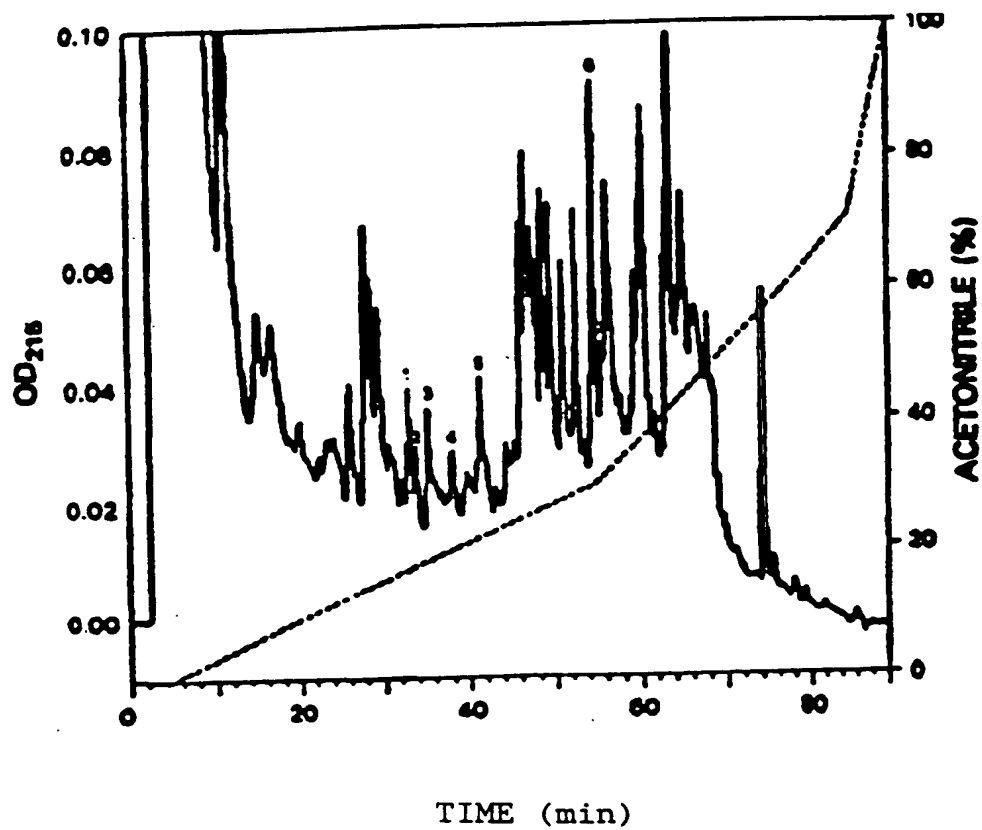
FIGURE 9

FIG. 10

		Upper Wells		
Lower Wells		0	0.01%	0.1%
	0	4.8 ± 0.3	12.7 ± 0.8	33.8 ± 1.6
	0.01%	48.4 ± 4.0	39.3 ± 2.0	30.0 ± 1.4
	0.1%	76.6 ± 1.0	68.3 ± 2.1	41.0 ± 2.4

00483831.011700

FIG. 11



# **cDNA Cloning of ATX (4 C11 clone)**

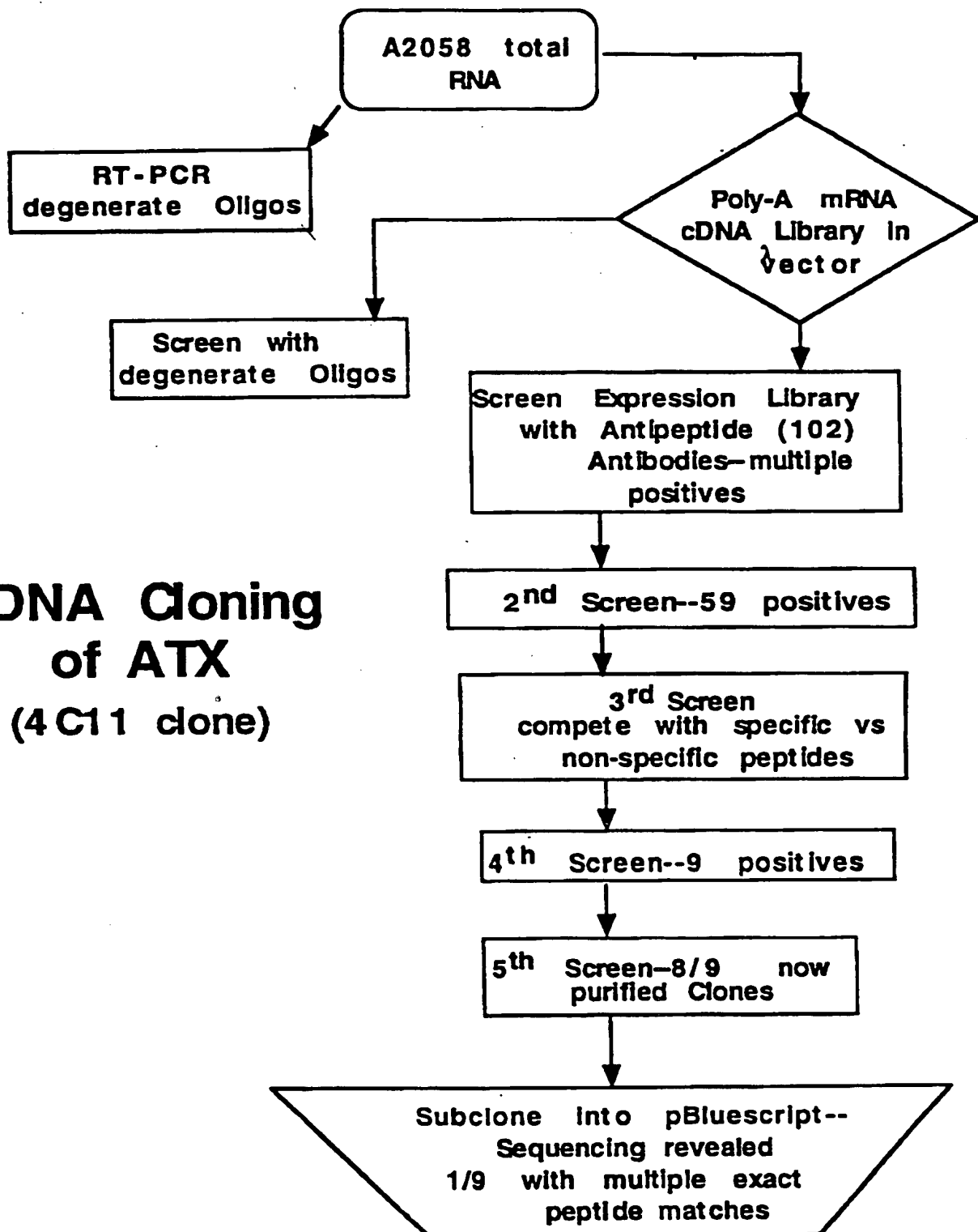


FIGURE 12

# AUTOTAXIN GENE

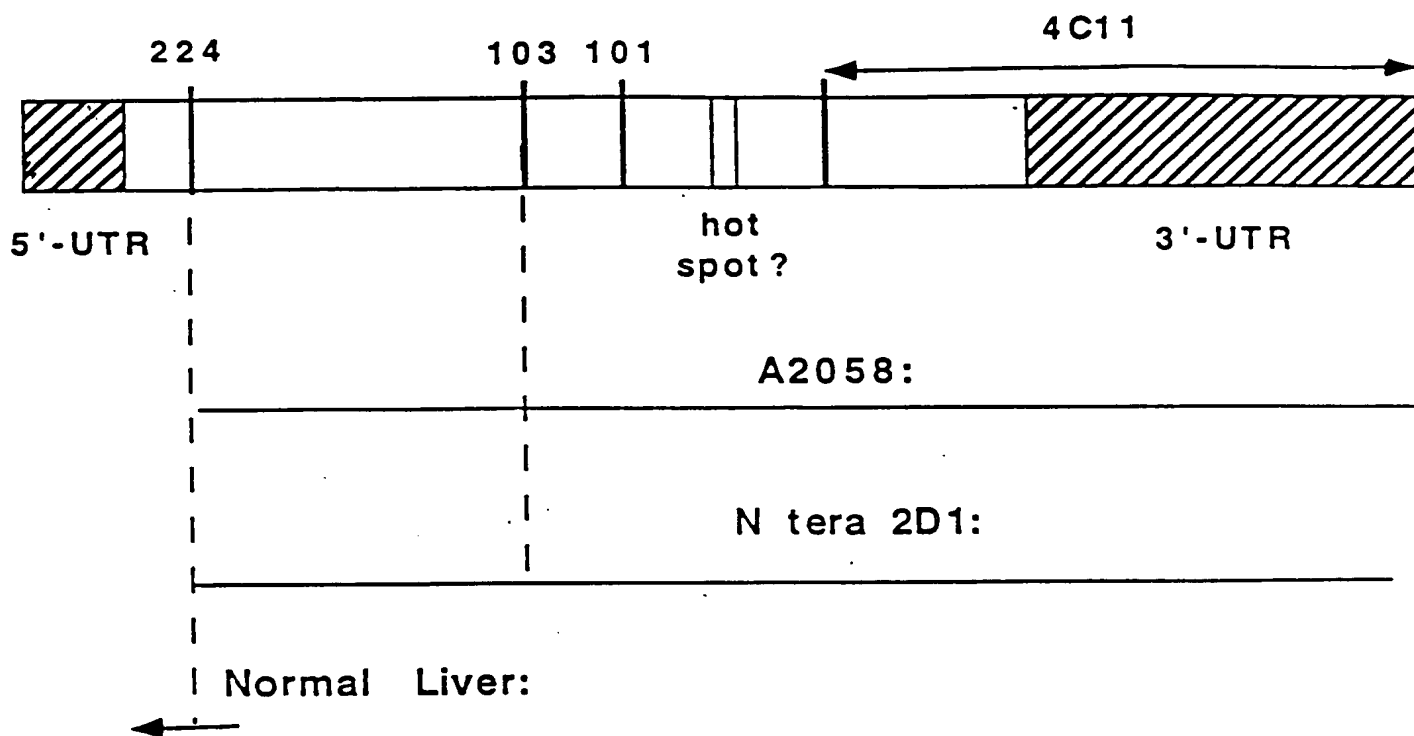


FIGURE 13

# Match-up of ATX peptides with putative A2058 protein sequence

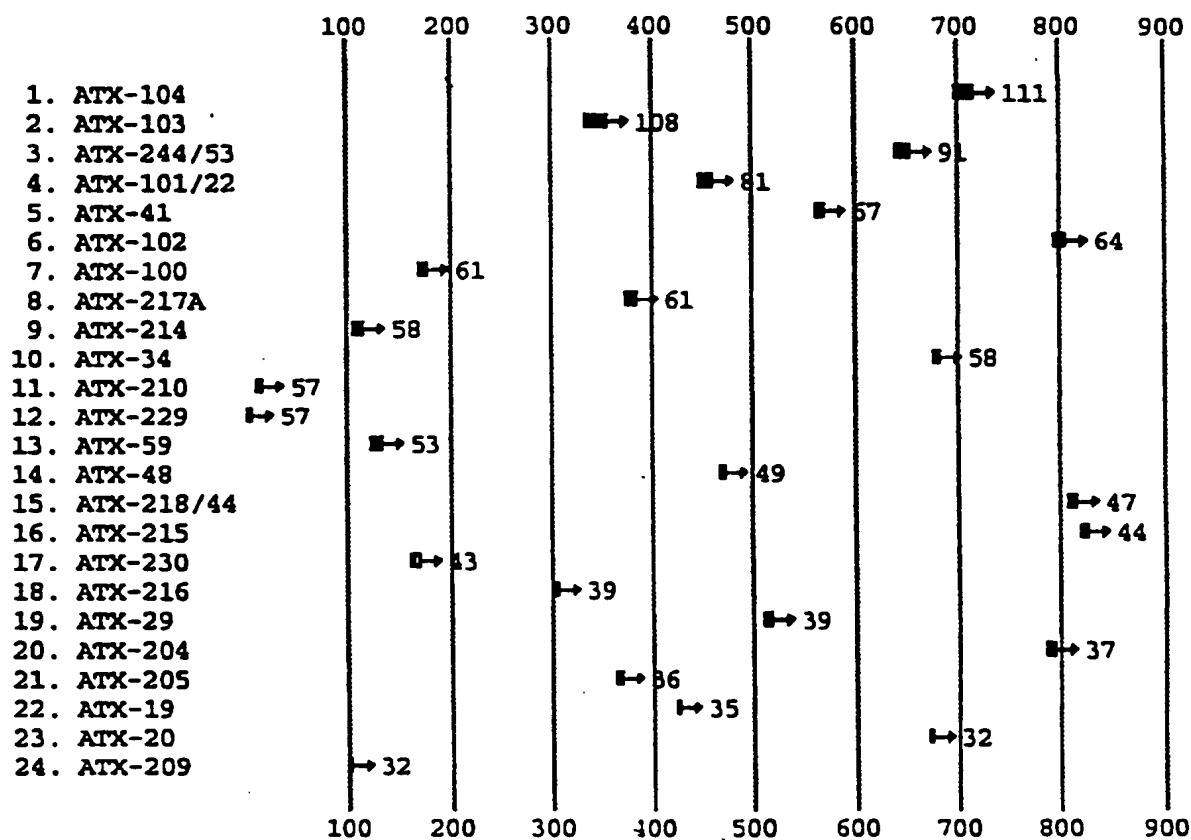


FIGURE 14

# Match-up of ATX peptides with putative N-tera 2D1 protein sequence

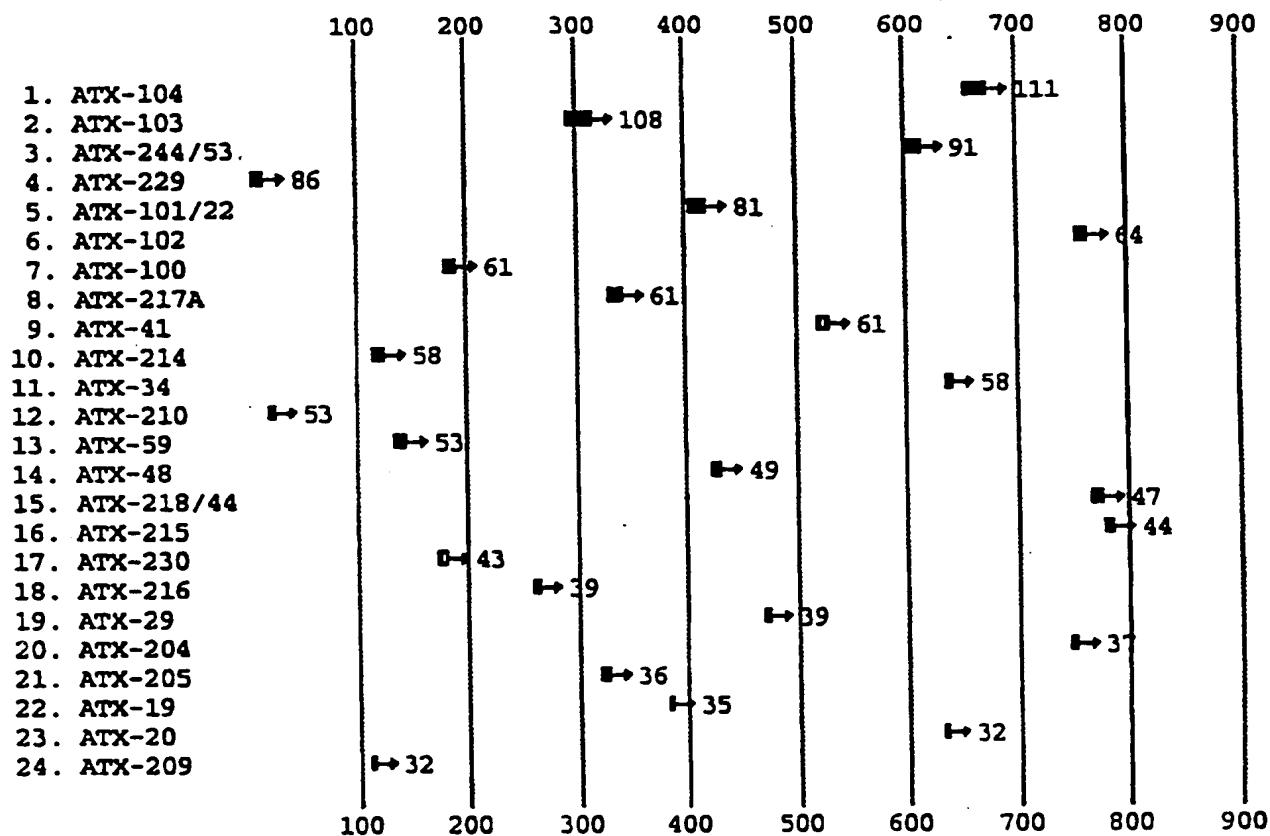
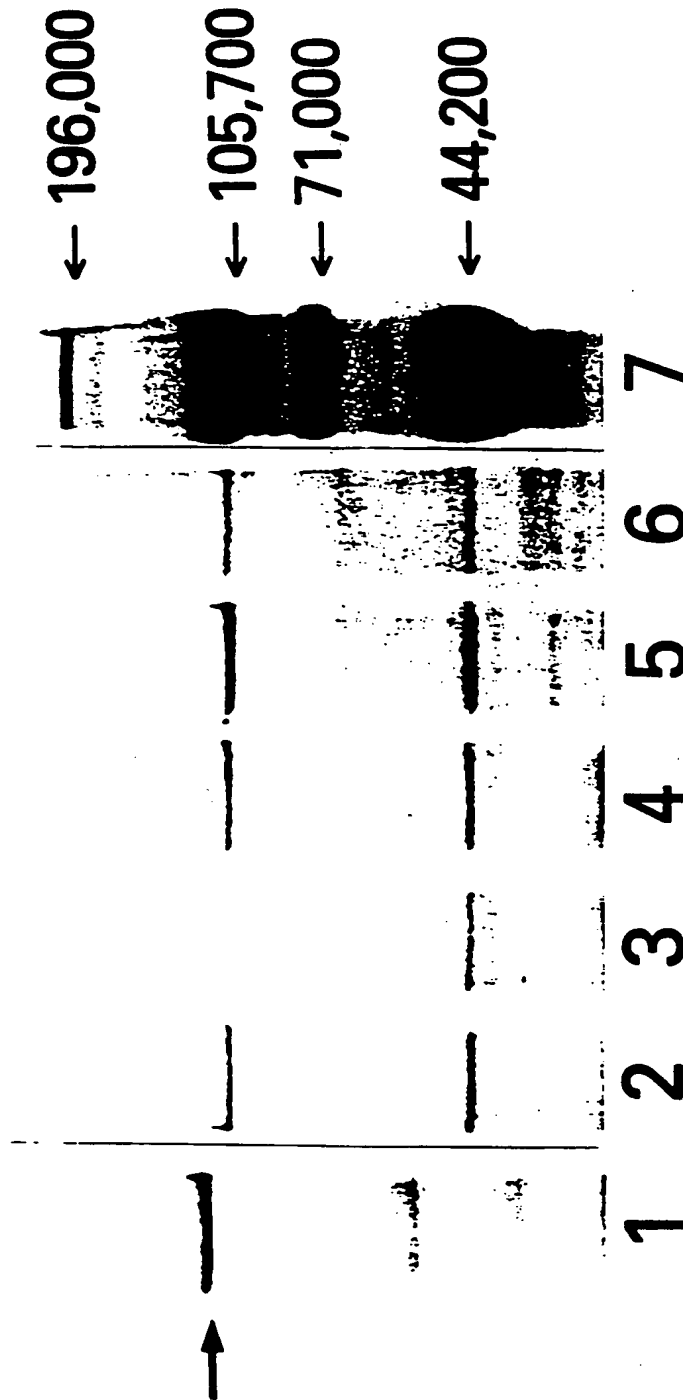


FIGURE 15

FIG. 16



002710" 12822460

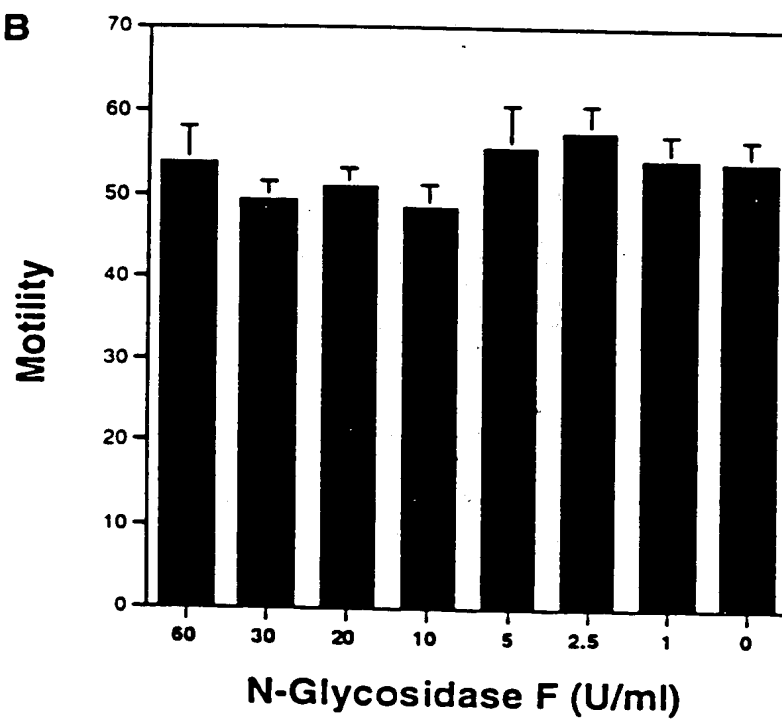


FIG. 17

A



B

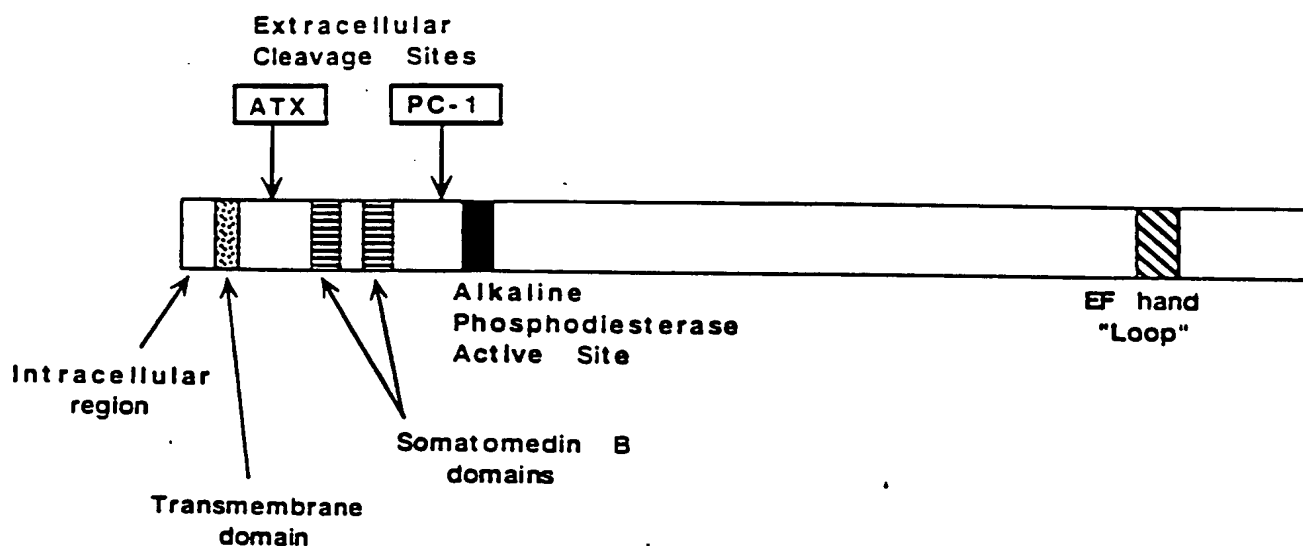


[illegible]

hATX	MARRSSFQSCQIISLFTFAVGVSIICLGFTAIHRIKRAEGWEEGPTVLSDSPWNTNIGSCKGRCFELQEAGPPDCRCDNLCKSYTSCCHDF	90
hPC1	MDVGEEPLEKAARATAKDNTYKVL <sup>1</sup> SLVSV <sup>2</sup> CVLT <sup>3</sup> IT <sup>4</sup> IL <sup>5</sup> .....GCIFG....LKPSCAKEVK..SCKGRCF...ERTFGHRCDAACV <sup>6</sup> ELJ <sup>7</sup> QIC <sup>8</sup> LD <sup>9</sup> J <sup>10</sup>	84
hATX	DELCLKTARGWECTKDRCEGEVRNEENACHCSEDCLARGDCCTNYQVVCKGESHVDDCEEIKAAECPAGFVRPPLIIFSVDGFRASYMKKGSKVMPHIE	190
hPC1	QETCTEPEHIIWTCNKFRCGEKRI <sup>1</sup> TRSLCACSDUC <sup>2</sup> NUK <sup>3</sup> GD <sup>4</sup> DC <sup>5</sup> IN <sup>6</sup> YSSV <sup>7</sup> CQCK <sup>8</sup> SW <sup>9</sup> VE <sup>10</sup> ECES <sup>11</sup> INEP <sup>12</sup> QC <sup>13</sup> PAG <sup>14</sup> FET <sup>15</sup> PT <sup>16</sup> PI <sup>17</sup> IL <sup>18</sup> SL <sup>19</sup> DG <sup>20</sup> FRAE <sup>21</sup> V <sup>22</sup> LI <sup>23</sup> HT <sup>24</sup> WK <sup>25</sup> GL <sup>26</sup> IL <sup>27</sup> PV <sup>28</sup> IE <sup>29</sup>	184
hATX	KLRSCGTHSPYMRPVYPT <sup>1</sup> FPNLY <sup>2</sup> T <sup>3</sup> ATGLY <sup>4</sup> PESHGIVGNSMYDPVDFATFHLRGREKFNHRMGGQPLWITATKQGVKAGTFEWS.....	272
hPC1	KLKCKGTYTKMRPVYPTKTFPNHYSIVTGLYPESHGII <sup>1</sup> DNKMYDPKMNASFSLKSEKFNPEWYKGEPIWVTAKYQGLKSGTFEWP <sup>2</sup> GS <sup>3</sup> DE <sup>4</sup> ING <sup>5</sup> IF <sup>6</sup> PD <sup>7</sup> I	284
hATX	.....VV <sup>1</sup> PIHERRIL <sup>2</sup> T <sup>3</sup> LRWL <sup>4</sup> T <sup>5</sup> L <sup>6</sup> PIHERRISVYAIY <sup>7</sup> SEQP <sup>8</sup> DFSGH <sup>9</sup> KYGPFG <sup>10</sup> PESSYGSPT <sup>11</sup> PAKRDK <sup>12</sup> RVAP <sup>13</sup> PKK <sup>14</sup> KQER <sup>15</sup> PVAP <sup>16</sup> PKK <sup>17</sup> RRK <sup>18</sup> II <sup>19</sup> RNDI <sup>20</sup> YAAET <sup>21</sup>	372
hPC1	YKMYNGSVPFEEIRILAVLQWLQPKDERPHFYTYLLEEPDSSGHSGYGPVSSE.....	336
hATX	RQDKMTNPLREIDKIVGQ <sup>1</sup> MDGLK <sup>2</sup> QLK <sup>3</sup> LRRCVNVIFVGDHGMEDVTC <sup>4</sup> DRTE <sup>5</sup> FLSN <sup>6</sup> YLT <sup>7</sup> NVDD <sup>8</sup> ITL <sup>9</sup> VP <sup>10</sup> GL <sup>11</sup> GR <sup>12</sup> IR <sup>13</sup> .SKFSNN.AKYDPKAIIANLTCKKPD	470
hPC1	....V <sup>1</sup> KALQRVDG <sup>2</sup> WGLMDGLKELNLH <sup>3</sup> IRCLNLIL <sup>4</sup> TS <sup>5</sup> DIHMEQ <sup>6</sup> SCKKY <sup>7</sup> TYL <sup>8</sup> NKYLG <sup>9</sup> DV <sup>10</sup> KN <sup>11</sup> IK <sup>12</sup> VIYGPAA <sup>13</sup> RLRPS <sup>14</sup> DPK <sup>15</sup> YYS <sup>16</sup> FN <sup>17</sup> YEG <sup>18</sup> IA <sup>19</sup> NLS <sup>20</sup> CKEPI <sup>21</sup>	472
hATX	QHFKPYLKQILPKRLHIYANNRRIEDIIHLLVERRHIVARKPLDVYKKPSGKCFQGDIGFDH <sup>1</sup> KVNS <sup>2</sup> QT <sup>3</sup> VF <sup>4</sup> GYG <sup>5</sup> PT <sup>6</sup> FKY <sup>7</sup> KT <sup>8</sup> KV <sup>9</sup> PP <sup>10</sup> FE <sup>11</sup> II <sup>12</sup> EL <sup>13</sup> YI <sup>14</sup> W <sup>15</sup> NC <sup>16</sup> DI <sup>17</sup> IG	570
hPC1	QHFKPYLK <sup>1</sup> HF <sup>2</sup> LPK <sup>3</sup> RLH <sup>4</sup> FAKSDRIEPLTFYLD <sup>5</sup> PQWLALNPSE..RKYCGSGF....HGSDNVFSNMQALFVGYGPGFKH <sup>6</sup> IEAD <sup>7</sup> T <sup>8</sup> FEN <sup>9</sup> IEV <sup>10</sup> YN <sup>11</sup> LM <sup>12</sup> CD <sup>13</sup> LI <sup>14</sup>	526
hATX	LKPAPNNGTHGSLNHL <sup>1</sup> LR <sup>2</sup> TNT <sup>3</sup> FRPT <sup>4</sup> MEEV <sup>5</sup> TRPNYPGIMYLQSD <sup>6</sup> FDL <sup>7</sup> CTCDD <sup>8</sup> KVEPK <sup>9</sup> NKLD.ELNKLRIHTK <sup>10</sup> SGSTEERHLLYGRPAVLYRTR.YDILYHT	668
hPC1	LT <sup>1</sup> PAPNNGTHGSLNHL <sup>2</sup> LKNPVYTPKHPKEV.HPLVQC <sup>3</sup> PFTRNPRDNLGCSNPSIL <sup>4</sup> PIED <sup>5</sup> QTQ <sup>6</sup> NLT <sup>7</sup> VAEEKIIKHETLPYGRPRVLQKENTICLLSQH	625
hATX	DFESGYSEIFLMLLWTSYTVSKQAEVSSVPDHLTSCVRP <sup>1</sup> DVRVSPFSQ <sup>2</sup> NC <sup>3</sup> LAYKND <sup>4</sup> KQMSYGLFP <sup>5</sup> PYLSSSPEAKY.DAFLVTN <sup>6</sup> MP <sup>7</sup> MPY <sup>8</sup> PAF <sup>9</sup> KRV <sup>10</sup> WNY	767
hPC1	QFM <sup>1</sup> SGYSQDIL <sup>2</sup> MLPLWTSYTVDRND <sup>3</sup> SFS..TEDFSNCLYQDFRIP <sup>4</sup> LS <sup>5</sup> PVHKCSFYK <sup>6</sup> NNTKVSYGLSP <sup>7</sup> PPQ <sup>8</sup> LKN <sup>9</sup> SSGI <sup>10</sup> SEALL <sup>11</sup> T <sup>12</sup> NI <sup>13</sup> VP <sup>14</sup> MT <sup>15</sup> QSFQ <sup>16</sup> VI <sup>17</sup> WY	723
hATX	FORVLVKKYASERNQ <sup>1</sup> VN <sup>2</sup> ISGPIFYDYDGLHDTEDK <sup>3</sup> IKQ...YVEGSSIPV <sup>4</sup> PTHYYSI <sup>5</sup> ITSC <sup>6</sup> LD <sup>7</sup> TPAD <sup>8</sup> KCDG <sup>9</sup> PLSV <sup>10</sup> SSFIL <sup>11</sup> PHRPDNEESCNSSEDE	875
hPC1	FHD <sup>1</sup> TL <sup>2</sup> LRKYAEERNGVNVSGPVDFD <sup>3</sup> YDGRCD <sup>4</sup> SI <sup>5</sup> ENL <sup>6</sup> RQ <sup>7</sup> KRRVIR <sup>8</sup> NQEILIP <sup>9</sup> THFF <sup>10</sup> IVLT <sup>11</sup> SC <sup>12</sup> KDT <sup>13</sup> SQT <sup>14</sup> PLHICEN.LDTLAFIL <sup>15</sup> PHRTD <sup>16</sup> NS <sup>17</sup> ESC <sup>18</sup> VHG <sup>19</sup> KHD	822
hATX	SKWVEELMKMH <sup>1</sup> TARVRO <sup>2</sup> IEHL <sup>3</sup> TSLD <sup>4</sup> FFR <sup>5</sup> K <sup>6</sup> TS <sup>7</sup> RSY <sup>8</sup> PEIL <sup>9</sup> T <sup>10</sup> KL <sup>11</sup> TYL <sup>12</sup> HTY <sup>13</sup> ESEI	915
hPC1	SSWVEELMLH <sup>1</sup> RARITD <sup>2</sup> VEHITGLSF <sup>3</sup> YQORKEPVSDIL <sup>4</sup> KL <sup>5</sup> KL <sup>6</sup> THL <sup>7</sup> PTFSQED	873

FIG. 18

FIG. 19



00483331.011700